

FIG. 1A
- per
paper
#14

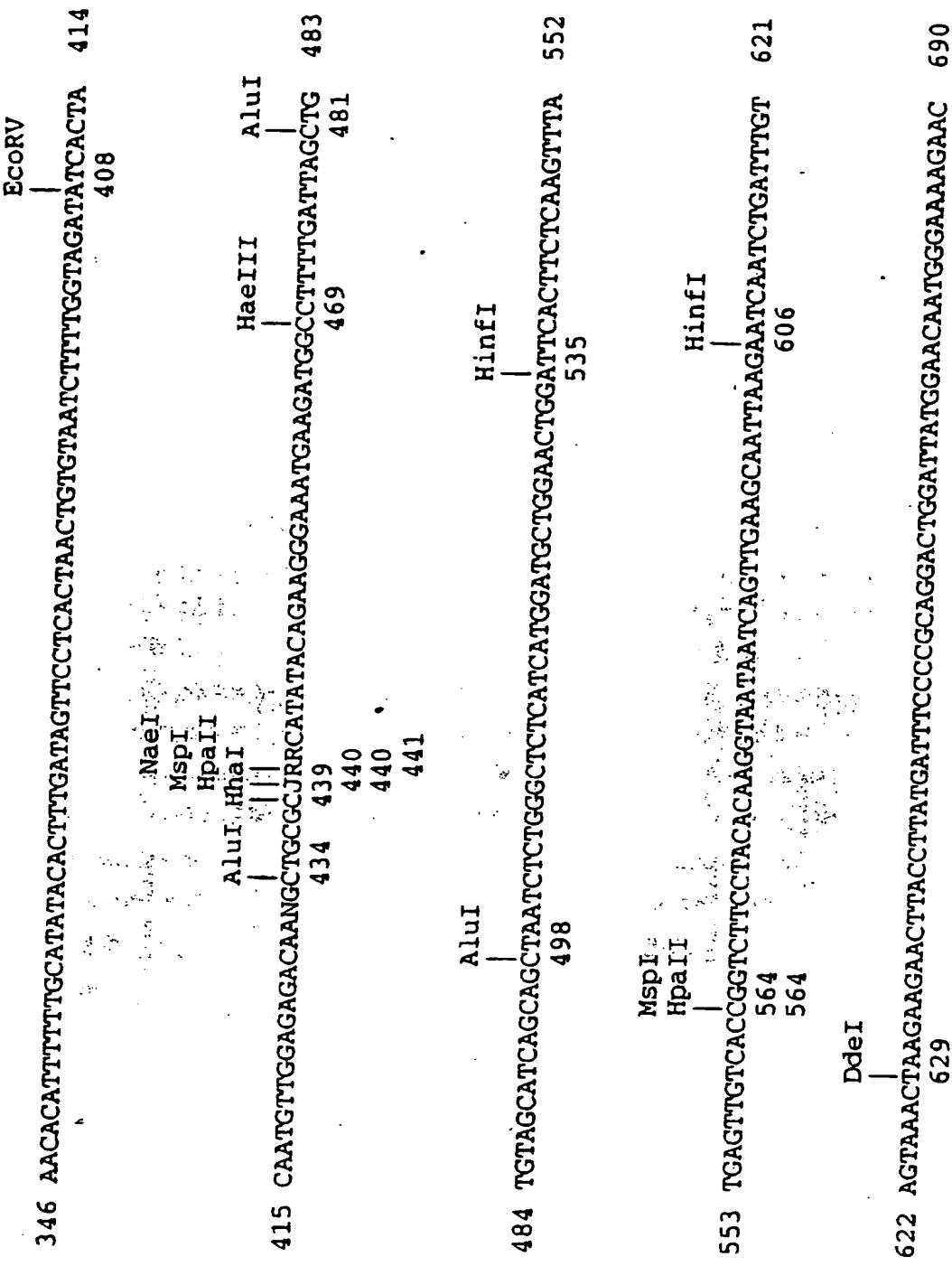


FIG. 1B

FIG. 1C

1105 CATAGGAGGTGGGAGAATGGGTATAGAATAACATCAATGGCAGCAACTGGGGATCAAGCAGCTTTCATA
 Sau3AI AluI
 1156 1166 1173

1174 TTAAGCATACCAAAAGCGTAAGGTGGATGGTGAAGAACTCAAGAGACTCTCCGACCCACCGCTTCCAAAGT 1242
 Hinfl

1216

1243 ACTCATGTCAGGTTGGTTCTTTAGCTTGAACACAGATTGGATCTTTCTTGTGTTCCATATAC 1311
 ScaI
 RsaI
 1243 1269 1286

1243

1312 ATAGGACCTGAGGCTTTGGTTGAATTTCAGGACAAATGGCGAAGGAATCTGTACATTG 1380
 DdeI AvrI AluI
 1316 1326 1320

1381 CATCAATAATGCTATGGCAGGACAGTGTGCTGATGATAACACACTTAAGCATCATGTGTGTAGAAAG 1449

1472 1472

1450 CCGAAGACAAATTGGAGGGAGCCTCAGGGTGTCAATAATCCAAAGACGTAAACAGACGGCAGTC 1518
 MstII DdeI TchIII
 1514

FIG. 1D

1519 TCTTGGTTGAATGTGATGAAAGGGATGTGCTTGGTATGATGTCAGAGTAACAAAAGAGGATGCA 1587
 1564

RsaI |
 1588 ATTGAGACTAGTAGAAAGATTGAGAGCTTTAATGGGCTCTTAAAGGCCCTTCAAAGTGTGCGCTTTATCTGATATC 1656
 1613 1619

AluI | DraI |
 1657 ATCCATTGGCGTTGTTAATGGGCTCTTAAAGTGTGTTCTGGATATGTTCTGTTCTCAGTGTCTGAATATCTGAT 1725
 1706

DdeI |
 1726 AAGTGCAATGTGAGAAAAGCCACACCAAAATATTCAAAATCTTATATTTTAATAATGTCGAATCA 1794
 1788

TaqI |
 1795 CTCGGAGTTGCCACCTTCTGTCGAATTGTGCTGAAATCTACACTAAAAAAACATTCTTCAGGGT 1863
 1829

Hinfl |
 1864 AATGACATTGGACTATGTTCTCATTAAGTTTAAAGTTTAAGTTTACCTTC 1932
 1887

EcoRI |

FIG. 1E

FIG. 1F

1933 TTTTTGAAAAATATCGTTCATAAAGATGTCACGCCAGGACATGAGCTACACATCACATTTAGCATGCA 2001
BstNI AluI SphI
1968 1978 2000

2002 GATGGGGACCGATTGTCACACTCACTTCAAAACACCTA 2043
AluI NdeI
2043 2067

2071 CATTGCAATATTACACCGTGAATGCCATTCACCTATAATTAGGGCTGGCTCA 2139
SphI NsiI Sau3AI
2073 2089 2075

2140 CTTTTTACTCAACCAAAACTCATCACTACAAACATACACAAATGGCGAACAAAGCTCTTC 2200
AluI Met
2195

Lambda CGN1-2

NCG-186 Linear LENGTH = 4325

XbaI
TaqI
ApaI

1 CTCGAGGGCAGTCACTAACATGAAGTTGACCGAGGAGCCCAACTATGGGAAGCTTATTCTCTTTTCGAT
2 3

50

69

66

XbaI XbaI SacI
1 HindIII AluI SacI
2 3
4 5 6
5 6 7
8 9 10 11
12 13 14 15
16 17 18 19
20 21 22 23
24 25 26 27
28 29 30 31
32 33 34 35
36 37 38 39
40 41 42 43
44 45 46 47
48 49 50 51
52 53 54 55
56 57 58 59
60 61 62 63
64 65 66 67
68 69 70 71
72 73 74 75
76 77 78 79
80 81 82 83
84 85 86 87
88 89 90 91
92 93 94 95
96 97 98 99
100 101 102 103
104 105 106 107
108 109 110 111
112 113 114 115
116 117 118 119
120 121 122 123
124 125 126 127
128 129 130 131
132 133 134 135
136 137 138 139
140 141 142 143
144 145 146 147
148 149 150 151
152 153 154 155
156 157 158 159
160 161 162 163
164 165 166 167
168 169 170 171
172 173 174 175
176 177 178 179
180 181 182 183
184 185 186 187
188 189 190 191
192 193 194 195
196 197 198 199
200 201 202 203
204 205 206 207
208 209 210 211
212 213 214 215
216 217 218 219
220 221 222 223
224 225 226 227
228 229 230 231
232 233 234 235
236 237 238 239
240 241 242 243
244 245 246 247
248 249 250 251
252 253 254 255
256 257 258 259
258 259 260 261
262 263 264 265
266 267 268 269
269 270 271 272
273 274 275 276
277 278 279 280
281 282 283 284
285 286 287 288
289 290 291 292
293 294 295 296
297 298 299 299
300 301 302 303
304 305 306 307
308 309 310 311
312 313 314 315
316 317 318 319
319 320 321 322
323 324 325 326
327 328 329 330
331 332 333 334
335 336 337 338
339 340 341 342
343 344 345 346
347 348 349 349
350 351 352 353
354 355 356 357
358 359 360 361
362 363 364 365
366 367 368 369
369 370 371 372
373 374 375 376
377 378 379 379
380 381 382 383
384 385 386 387
388 389 390 391
392 393 394 395
396 397 398 399
399 400 401 402
403 404 405 406
407 408 409 409
410 411 412 413
414 415 416 417
418 419 420 421
422 423 424 425
426 427 428 429
429 430 431 432

346 AAAACATTTTGATATACACCTTGAAGTTCTCAACTGTAATCTTTGGTAGATATCACTA 414
347 348 349 349
350 351 352 353
354 355 356 357
358 359 360 361
362 363 364 365
366 367 368 369
369 370 371 372
373 374 375 376
377 378 379 379
380 381 382 383
384 385 386 387
388 389 390 391
392 393 394 395
396 397 398 399
399 400 401 402
403 404 405 406
407 408 409 409
410 411 412 413
414 415 416 417
418 419 420 421
422 423 424 425
426 427 428 429
429 430 431 432

FIG. 2A

FIG. 2B

HincII HhaII HaeII DdeI BstEII BpuI HaeIII AluI 415 CAATGTCGGAGAGACA3GGCTGMNCANCATATACAAAGGAAATGAAGATGGCCTTTGTAGCTG 483
439 438 439 439 440 438
AluI HinfI 484 TGTAGGATCAGCAGCTTAATCTCTGGGCTCTCATGGATGGAACTGGATTCACTTCTCAAGTTA 552
498 535
MspI HpaII HinfI 553 TGAAGTTGTCACCGGTCTTACACAAGGTAATAATCAGTTGAAGCAATTAAAGAATCAATTGGATTGT 621
564 564 606
Ddel 622 AGTAAACTAAGAAGAACCTACCTTATGTTTCCCGCAGGACCTGGATTATGGAACATGGAAAAGAAC 690
629
AluI AluI AluI SacI 691 TACTATAAGCTCCATAGCTGGTTCAAGATAACGGGAGCTCTTAGTTAGTTATGCAAAAGGTAGTGT 759
702 710 729 731

760 TTAGTGAATAAACTTAAACACAAAGTCCTCATTCGACTTTTAACTTGTGGAAATTCAG 828
 829 "GAACCTACTTATTCCTAGGAGTCATACAAAGTGAGGCTCTCAAGTGGAIAAAGGAAAT 897
 842 Bdel 842
 865 XbaI 865
 908 SmaI 908
 961 SacI 961
 967 ACCTGGCTCTCTGAGGTAGCTTCTGCTCTGAGGTTGACTTTTGTACCCAAAGGATGGGATAC 1035
 1036 CTAATATGATAAACCTCTGGCTTGAGGAAAGCTGGGAACTGGGATTCAGCAGGTCTTCAAT 1104
 1074 1074 1087 1087
 1115 SmaI 1115 1165 AluI 1165
 1116 SmaI 1116 1166 AluI 1166
 1174 TTAGGAGGTTGGAGAATGGGTAAGATAACATCAAGGAAACTCAAGAGGCTCTGGCAAC 1174
 1215 1215 1242 1242

FIG. 2C

1243 CTCATGTCAGGTTGGTTCTTCTTCAACAGATTGGATCTTGTGTTCCATATACT 1311
 AluI Sau3AI Ddel
 1268 1285 1311

1312 TAGGACCTGAGGCTTGGTTGATTTTTCAGGACAAATGGCGAAGAACTGTACATTGCATCA 1380
 Ddel AluI HinfI RsaI
 1315 1325 1363 1370

1381 ATATGCTATGGCAGGACAGTGTGATAACACACTTAAGCATCATGTGGAAAGACAATTGGAG 1449
 HinfI RsaI
 1450 CGAGACTCAGGGTCATTAATACCAATCAAAGACGTAACCAACGCAACCTCTTGGTTGAATGTA 1518
 Ddel 1456 1454

1519 ATGAAAGGGATGTGTCTTGGTATGTATGTACGATAACAAAGAGAAAGATGGAAATTAGTAGTGAATA 1587
 RsaI 1548

1588 TTTGGGAGCTTTTAAGCCCTCAAGTGTGCTTTATCTTATTGATCATCCATTGGCTTAA 1656
 AluI EcoRV
 1596 1635

1657 TGGCTCTAGATAATGTTCTTCTGATAAGTGAATGTGAGAAGACATACCAA 1725
 XbaI Ddel
 1664 1687

FIG. 2D

1726 ACCAAAATTCAAACTTATTATAAATGTTGAATCACTCGGAGTTGCCACCTCTGTGCCAATTG 1794
 HinfI

1761
 HinfI

1795 TGCTGAATCTATCACACTAGAAAAACATTTCTCAAGGTAATGACTTGTGGACTATGTTCTGAAATTG 1863
 1800
 1859

1864 TCATTAAGTTTTTATTTCTGAAGTTAACCTTACGTTAAGTTAACATGTTCAAAATATATCGTTCATAAAGATG 1932
 SphI

1940 BstNI AluI
 1933 TCACGCCAGGACATGAGCTTACACATGCCACATAGCATGGCAGATCAGGGACGATTGCACTCACTTCAA 2001
 1950 1971 1973

2006 PdeI AluI
 2002 CACCTAAGAGCTTCTCTCACAGGGCACACACATATGCAATTTACACGTGATGCCATGCCA 2070
 2012 2028 2036 2042 2044 2058

2071 ATCTCCATTCTACCTAAATTAGAGCCCTCGGCTTCACTCTTACTCTAAACCAAACTCATCACTACA 2139
 AluI

2140 GAACATACACAAATGGCGAACAAAGCTCTGGCAACTCTGGCTTCTGCTTCTCACC 2208
 METAlaAsnLysleuPheLeuValSerAlaThrLeuAlaLeuPheLeuLeuThr
 2164

FIG. 2E

FIG. 2F

M116

Hsp	Hsp	HinfI	XbaI	AccI	2692	2692	2692	2694
Hsp	Hsp	HinfI	XbaI	AccI	2692	2692	2692	2694
Hsp	Hsp	HinfI	XbaI	AccI	2692	2692	2692	2694
Hsp	Hsp	HinfI	XbaI	AccI	2692	2692	2692	2694
Hsp	Hsp	HinfI	XbaI	AccI	2692	2692	2692	2694

<pre> HincII 2761 GTTGATGTTAAACACTACATAGTCATGGGGGGTCCATTAAATAGTGTCTAAATGTTAATAGAAC 2829 2771 </pre>	<pre> RsaI 2813 </pre>	<pre> AccI 2830 TACCTGGTAAACGGGTAAAGGAGAAGTTTACCTGCTACTTCCATTAAAGCTGATGAT 2898 </pre>
---	------------------------	---

2899 TAAACAGATAACCAAAAAGAAACATTAACTTACACAGAGGAGTAACTTAA 2967
Scal
Asa|

FIG. 2G

FIG. 21
3930

3892

卷之三

3

3796	C G C G G G S M H M H T T G G G G G G G G A C G T T T G G C G G G G G G A C G T T T G G G G G G G G A	1864
1804	1804	1861

3801

iv

28

111

CE/C

37/45

3658 AACGAGAAAGTCACCAACCCTCCACTTAAACCTTGAACTTACAGAGAGAACCGAGCAGNCNNNNAGAA 3726

917

四

卷之三

888
699
555
333

3589 G T G T A A C C G T A T T C A T T G G T G A A M C C T A G A A G C C A C C C A A C C T T T T A A C T T A A T T T G C A 3657

1528529

1100

23

	Hsp	PdeI	HpaI	HpaI	HpaI	HpaI	HpaI
3520	ACCCGTTAGC	GAGTGTCAAGTC	GGCAACCATCG	CTGCAATGTC	AACTTCCGGTTAA	3586	
3522	3528	3529	3560	3576	3581		

MSD | Date |

2

3934 TCGAATCTTATTCGGCTGGTACCGATAAGCTAACCTTATGAAAGTCICA 4002
 3935 3937 3976 4000 Pdel
 AluI XbaI Pdel
 4003 CCTTGAATGGAACTAACCTGGCTTATAGTGTCCCTGGTGAATCAGTCICA 4071
 4004 4023 4069 Pdel
 4072 GCACCTTGGATTCATCTGGTTAAAGTTAAAGGTAGAAACTTGGTACCTCTCCCTTATG 4140
 4085 Pdel
 4141 ACAGGGTTAACCTGGTATAAACAGAAGTTGCACCTTCCATGGCTGGTGAAGCTG 4209
 4146 Pdel
 AvaiI AluI Pdel Sau3AI
 4210 GACCAAGCTCTCAGGGAAAGATCCCTTACTTCAAAGCCCCATCTACTTGGAAAAGACAGAT 4278
 4210 4217 4222 4231 PstI
 Sau3AI AluI PstI PstI
 4279 TGGGAAAGTTGAGAGATCCAGCTTGGCTGGAGGCGACGAATC 4325
 4291 4302 4316 4321 Sall
 4313 4315 4316 FIG. 2J

Brassica campestris ACP Genomic Sequence

1 AAGAGTATGTTCTACTACTATAATCAAGTTCAAGAAGCTTCAACTCTGAGCTTGGCTCTCACTTTATAT 6
11 46 51
14 47

70 GTTTGATGTTGTTGTCAGGTATGGTAAATCATGAAAGAGATAAAGAATGCAAACCCCTGAAGTATGG 138

139 CAGAGAGGACTGAGGTGAGAGAGCATGTCACTTTGTGTTACTCATCTGAATTATATGCGAATT 207
149

208 GTAAAGTGGTACTAAAGGTTGTAACCTTGGTAGGGATTGAGGATAAATGGAGGAACCTGGCTTC 276
217

277 GGAGGGTTAACAAAGTTTATATTGCTATGAAAGCTTGGCTGCGCTGACGTTACAGCAGCTGTGGAG 345
310 338
308 338

AccI DdeI AluI AluI
| | | |
11 46 51 47

DdeI RsaI
| |
139 208

HindIII PvuII AluI
| | | |
217 277 310 338
308 338

FIG. 3A

346 AAGATGGTATTAGAAAGGGTCTTTACATTTGGTGTGACAATAATTAAATTGGCTATGGTGT 414
 MspI
 HpaII
 HaeIII
 ||
 403
 404
 404

415 GCTTAAGACTTGTGAGAGACGTGTGGGTTTTGATGTATAATTAGTCTGTGTTAGAACCAA 483
 Tth111I
 ||
 552

484 GACTTGTGNGTATGCTTTAACTTGAGGGGTTTGTGTAGTTAGGAACCTGACTTGACTTGCTCT 547

Sau3AI
 BglII
 ||
 ScaI
 RsaI

553 CTTTCTCTCAAGATCTGATTGGTAAGGTCTGGGTAGTACTGTTGGTTAAATTGTTGACTATT 621
 564 593
 564 593

Hinfl
 HaeIII
 ||
 622 GAGTCACTGTGGCCCATGACTTTAAATTAGGCTGGTATAATTGGTTAAACCGGCTGAGATAG 690
 623 634 646
 673 678 683
 678

HpaII
 DraI
 ||
 678

FIG. 3B

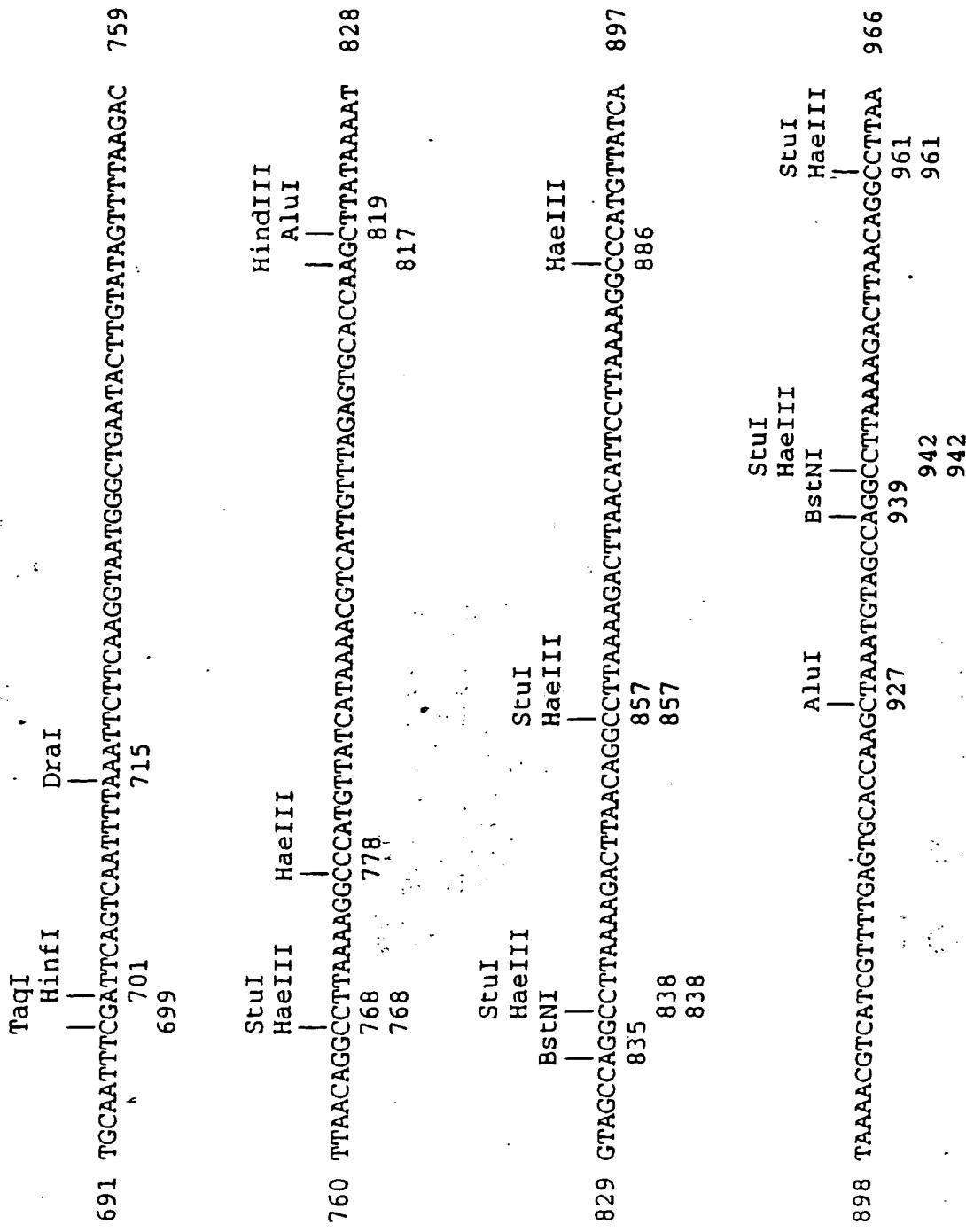


FIG. 3C

FIG. 3D

HincII | AluI | HinfI
 | |
 1243 GTTAACCTCCACGGCATGTTGATTATGTTGAGGAATTAGAAAAAAATGTTAGCTTACGAATCTTTAG 1311
 1243 1296 1303

Sau3AI | TagI |
 | |
 BcI | Sau3AI |
 | |
 1312 TGATCATTCAATTGGATTGCAATCTTGTGACATTGAGGCTTGTGATTGAGATTCTGATCTGATTCA 1380
 1313 1369
 1313 1368

HinfI | AluI | DraI
 | |
 1381 TTTGAAATCACAGCTATAATAGTCATTGAGTAGTAGTGTGTTTAAATGAAACATGTTTGTGTGTA 1449
 1386 1394 1425

AluI |
 |
 1450 TGGAACAAACAGGCAGCAACAACGAGGATTAGTTCAGAACGCCAGCTTGGTTCAACCGACTAAATCTC 1518
 AlaAlaThrThrArgIleSerPheGlnLysProAlaLeuValSerThrThrAsnLeu
 1496

HhaI | DdeI |
 | |
 1519 TCCCTCAACCTCCGCCGTTCAATTCCCCCACTCGTTCTCAATCTCCCTGCCGGTATGTTCTCATTTCAG 1587
 SerPheAsnLeuArgArgSerIleProThrArgPheSerIleSerCysAla
 1568 1584

FIG. 3E

1588 CATTATTTCGAGCTTGCTTGTCATGGTACTCTCTAAATTGTCTATTGGTTTATTAGGCCAACAG 1656
 AlAllysProG
 1648

1597 1601 1616 1616
 ddEI AluI

1657 AGACGGTTGAGAAAGTAGATAGTTAAGATACTCTGACACTCAAAAGACGACCAAAAGGCTGGTTG 1725
 IuthrValGluLysValSerLysIleValLysGlnLeuSerLeuLysAspAspGlnLysValValA
 1676 1695

Sau3AI Hinfl TaqI

1726 CGGAGACCAAGTTGCTGATCTGGAGCAGATTCTCTGACACTGTAAGTCATCAATCATTCTTATG 1794
 IaGluThrLysPheAlaAspLeuGlyAlaAspSerLeuAspThr
 1743 1756 1763

DdeI SphI

1795 TGAATAAGAGAACTTGAAGAGTTGTTTTAACATATTAACTGAGTGTGTTGCATGCAGGTTGAGATA 1863
 ValGluIle
 1837 1852

TaqI DdeI
 EcoRV AluI

1864 GTGATGGGTTAGACCGAAGAGTTGATATCGAAATGGCTGAAAGAGAAAGCTCAGAAAGCTACTGTG 1932
 ValMetGlyLeuGluGluGluPheAspIleGluMetAlaGluLysAlaGlnLysIleAlaThrVal
 1891 1893 1914
 1913 1914

FIG. 3F

FIG. 3G

Brassica Campestris Seed Specific cDNA-EA9

Sau3AI
 |
 1 TTCAACTTTCTAAACCAATGGCTTTAACACAGATCCAAATCTTCTCATTTGCTCTAGTCATC 69
 METAlaLeuThrGlnIleGlnIlePheLeuIleValSerLeuValSer 34

TaqI
 Sau3AI
 ClaI
 |
 70 ATTCAGTTATCGATCACTCTCTCGATATTACTCGATGAAAGTCGCCATGCACAGGACATGCCGA 138
 rPheSerLeuSerIleThrLeuSerArgProLeuAspGluValAlaMetGlnLysArgTyrAlaG1
 81
 82
 81

HaeIII
 |
 139 GGGATGACCGAACACGGCCGGTACGCAGATGGAACGGAGAAACAAACCGCTACGGCTGTTCAA 207
 uTrpMetThrGluHisGlyArgValTyrAlaAspAlaAsnGluLysAsnAsnArgTyrAlaValPheLy 157

HpaII
 DraI
 |
 208 ACGAACGTGGAACGCATTGAAACGCTTAAATGACGGTCAATCGGACTAACGTTAAACTCGGGTCAA 276
 sArgAsnValGluArgIleGluArgLeuAsnAspValGlnSerGlyLeuThrPheLysLeuAlaValAs 250
 263

Complete nucleotide sequence of B. campestris cDNA EA9. The longest open reading frame is designated by three letter amino acid code. PolyA tails are evident at the end of the sequence and a potential polyadenylation signal is underlined.

FIG. 4A

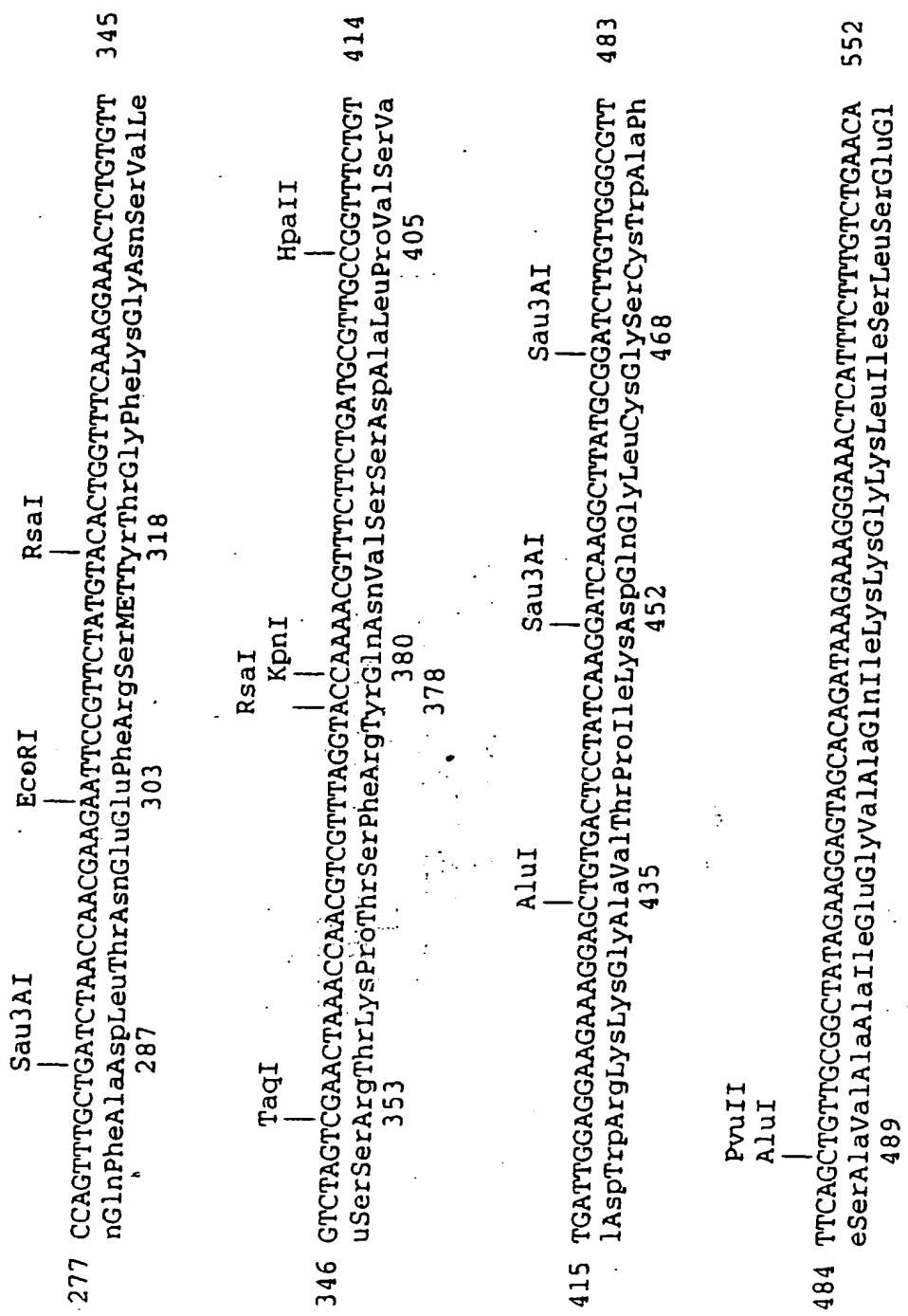


FIG. 4B

TaqI
 SalI
 HincII
 AluI AccI
 | | | |
 553 AGAGCTTGTGACTGGACACAAACGATGGCTGGCATGGGGGGTTGATGGATAACAGCGTTAACTA 621
 nGluLeuValAspCysAspThrAsnAspGlyGlyGlyCysMetGlyGlyLeuMetAspThrAlaPheAsnTy
 557 562
 560
 561
 562

622 CACAATAACTATTGGGGCTTAACCTCTGAATCAAAATTATCCTAAAGGTCTATCRAAGGTGAGGATTTGAGGATGTCGGCTAACGACAAACGGCACTTGCAA 690
 rThrIleThrIleGlyGlyLeuThrSerGluSerAsnTyProTyRlySerThrAsnGlyThrCysAS

HpaII
 |
 691 CTCTCAATAAAACTAAACAGATAGCAACTCTATCRAAGGTGAGGATGTCGGCTAACGATGAGAA 759
 nPheAsnLysThrLysGlnIleAlaThrSerIleLysGlyPheGluAspValProAlaAsnAspGluLy
 744

HpaII
 |
 760 AGCCCTAAATGAGGCAAGTGGCACACCCGGTTAGCATTGGAATAAGCGGGAGGAGATATGGTTTCCA 82
 SAaLeuMetLysAlaValAlaHisProValSerIleAlaGlyAspIleGlyPheGlyPheGly
 789

Sau3AI
 BclI
 |
 829 ATTCCTATTGGTCCGGTGTGTTAGCGGGAGAATGCAACTCATCTTGATCACGGGGTAAC TGCGGTRGG 897
 nPheTyrSerSerGlyValPheSerGlyGluCysThrThrHisLeuAspHisGlyValThrAlaValG1
 841
 875
 875

FIG. 4C

3H11 TTTTTTGAGCAAAGGGCAACTCAGATATCCAAGATGAATCCAACATATA 51

3H11 GCTTACAGCTGGGAGAACATTGTCTAACTCTCTGAAATTAAATGTTATC 102

3H11 CAGAACCTTCATCATAAAATAATCAAAATGCAAATCTATTTTCTAC 153

3H11 TCTTGTCTAGCTTCAACTTCTTCTGCTCATCAATTAGCAATTAATCC 204
TGCTCATCAATTAGCAATTAATCC

3H11 AAAACCATTATGGCTGCCAAAATTCAAGAGATGAAGTTGCTATCTCTTC 255

2A11 AAAACCATTATGGCTGCCAAAATTCAAGAGATGAAGTTGCTATCTCTTC
METAlaAlaLysAsnSerGluMETLysPheAlaIlePhePhe

3H11 GTTGTCTTTGACGACCACTTAGTTGATATGTCTGGAATTTCGAAAATG 306

2A11 GTTGTCTTTGACGACCACTTAGTTGATATGTCTGGAATTTCGAAAATG
ValValLeuLeuThrThrLeuValAspMETSerGlyIleSerLysMET

3H11 CAAGTGATGGCTTCGAGACATACCCCCACAAGAACATTGCTGAAAATG 357

2A11 CAAGTGATGGCTTCGAGACATACCCCCACAAGAACATTGCTGAAAATG
GlnValMETAlaLeuArgAspIleProProGlnGluThrLeuLeuLysMET

3H11 AAGCTACTTCCCACAAATATTTGGGACTTGTAAACGAACCTGCAGCTCA 408

2A11 AAGCTACTTCCCACAAATATTTGGGACTTGTAAACGAACCTGCAGCTCA
LysLeuLeuProThrAsnIleLeuGlyLeuCysAsnGluProCysSerSer

3H11 AACTCTGATTGCATCGGAATTACCCCTTGCCAATTGTAAAGGAGAACG 459

2A11 AACTCTGATTGCATCGGAATTACCCCTTGCCAATTGTAAAGGAGAACG
AsnSerAspCysIleGlyIleThrLeuCysGlnPheCysLysGluLysThr

3H11 GACCAAGTATGGTTAACATACCGTACATGCAACCTGTTGCCTGAAACAATA 510

2A11 GACCAAGTATGGTTAACATACCGTACATGCAACCTGTTGCCTGAAACAATA
AspGlnTyrGlyLeuThrTyrArgThrCysAsnLeuLeuPro

FIGURE 5A

3H11 TCAATGATCTATCGATCGATCTATCTATCTATTTATCTGTCTCTGCGCGTA 561
2A11 TCAATGATCTATCGATCGATCTATCTATCTATTTATCTGTCTCTGCGCGTA

3H11 TAGTGTGTCGTACCTTGGTGTGAAGAATATGAATAAAGGGATACATAT 612
2A11 TAGTGTGTCGTACCTTGGTGTGAAGAATATGAATAAAGGGATACATAT

3H11 ATCTAGATATATTCTAGGTAATGTCCTATTGTATTAAAATTGTAGCAAT 663
2A11 ATCTAGATATATTCTAGGTAATGTCCTATTGTATTAAAATTGTAGCAAT

3H11 GATTGTTGAATAAAAACATACCATGAGTGAAATAATTATTCCACATTAAT 714
2A11 GATTGTTGAATAAAAACATACCATGAGTGAAATAATTATTCC

3H11 TCACGTATTTATTCACTTATGATACGTATTTTGTCTTCGCGTAAAA 765

3H11 AAAAAAAA 774

FIGURE 5B

2A11 **(V)MALRDIPPQETLL**
 PA1b **(V)CSPFDIPP CGSPLCRCI**
 Chick pea
inhibitor **(V)CT-KSIPP ----QCRCN**
 Lima bean
inhibitor **LCT-KSIPP ----QCRCCT**
 α_1 -antitrypsin **LGAIPMSIPP E V**

2A11 **TNLLGLCNEPCSSNSDCI**
 PA1b **GSPLCRCI PAGLYIGNCR**
 Barley chloroform/
methanol-soluble
protein d **TNLLGNCR - FYLVQQQTCA**
 Wheat α -amylase
inhibitor 0.28 **VSAITGCR - AMVKLQ CV**
 Wheat albumin **VPALPACRPL - LRLQ CN**
 Millet bi-functional
inhibitor **NNPLDSCRWYVSATER.TACG**
 Castor bean 2S
small subunit **QQNLRQCCQEYIKQQVSGQ**
 Napin small subunit **AQNLRACRQ QWLNKQAMQS**

FIGURE 6

2A11 GENOM.

10	20	30	40	50
CTCGAGCCCT	TTAAAAAGTA	TAGTCAATAT	TTACGGTGAC	CGTGAATTTC
60	70	80	90	100
TTAATTATGA	TATATAATTT	AAAAGAAAATC	ATGATCACAT	TCTACTGATG
110	120	130	140	150
AGAACATGTG	CTAATCAAGG	GAAAACATGG	ATGTGAAAAAA	TACTTTTGT
160	170	180	190	200
TAAAAGTAAA	AAAAAAATGTG	AAATTTGTT	AGTTATTTAC	TACCTATACA
210	220	230	240	250
TTATTGAGC	ATGTGCACAC	TTTACAAATA	CCTAATAGAA	GATITTCACC
260	270	280	290	300
TGCCTGTATA	TATGTAAATT	AATTATAATG	AACACTCTCA	CATAAAAATAA
310	320	330	340	350
TTATCAGTAT	ATACATTAAT	ACTTGCCCTC	CACAATGAAT	TAAATAAAAT
360	370	380	390	400
GTAGAACATG	ATCTACACTT	CAATAAAACT	AAGACCATAA	AGAATAATTT
410	420	430	440	450
CAAAATATAC	ACATGTCAAC	AATAAATTAT	TTGCATATTA	TATTAACCTTA
460	470	480	490	500
CTAAACAATC	TTTACTTTG	AAATATAAAA	ATAATCAAGT	TATAAGTCTG
510	520	530	540	550
CTCAAAGTAA	AGCACTTGTT	AGACTCATCT	GATTTGAGA	AGGTAAGCAA
560	570	580	590	600
ATTGATGGTG	CATAATAGTC	ACAAGTAAAA	TATAAAAATAG	ATTCATTAG
610	620	630	640	650
TAAAATTGTT	TTTACTTTC	TTTATATATA	ATTATCAATA	TCCTTCATG
660	670	680	690	700
GTAGGTTAAT	TATATTGTTA	ACTTCCTGTT	GAATTAAAGC	AATAAGACAA
710	720	730	740	750
GAATATTAAA	GATAAAAGAA	CAATAAAAAT	AGAAAGACTA	AGAGATAAGA
760	770	780	790	800
GTTTCTTAT	TCTTCCTTCA	ATAAGTATCA	TCAAGTGTAT	ACAATATAAA
810	820	830	840	850
TTTTTGTATT	TTTGATCTAT	CTATTATATA	TGTTATATAT	AAGCATAACAA
860	870	880	890	900
AAGATCAGTC	ATAAAATATGA	CTTTAATCAT	GAAAATAATG	AAAGAGATTA
910	920	930	940	950
TGAAGGCGTA	AGGTTACTAG	AATAATAGTC	ATTAACAAAAAA	GGGGTTATCT
960	970	980	990	1000
TTATAATTGA	ATAATTGATG	AAGTAATGGA	GATAATTAGT	GAGCATAAAAT
1010	1020	1030	1040	1050
TTTTTTAAAA	AAATGGACAT	TTACACTATA	ATATTTATA	ACACTTTCCC
1060	1070	1080	1090	1100
TTAAACATCT	AGGTATAAAAT	AATGAGTCTT	GTCAAAATCT	TAGTAGGAAA

FIGURE 7A

1110	1120	1130	140	1150
AATTCTGTGA	AATTTTTTA	GTGAAAACAA	ATGATATAAA	TATCTTGAAT
1160	1170	1180	1190	1200
ACTCATTATT	TGTTGTCTCA	TTAAAAATCT	TATCTGACCT	ATAAAATAAA
1210	1220	1230	1240	1250
TTATTTGCTC	AACTCAAAAT	AGTTTTCAT	TCTAAAATTA	GTATAATTAT
1260	1270	1280	1290	1300
TAGTGAATAT	TTAATTAAACA	TAATTGTATA	CTAAGGGGCC	TATAAATTGG
1310	1320	1330	1340	1350
ATTCTCTCA	AAGAAAAATA	AAATCACCCAC	ACAACTTTCT	TCTTCTGCTC
1360	1370	1381	1390	
ATCAATTAGC	AATTAATCCA	AAACCATT	ATG GCT GCC AAA AAT	
			MET Ala Ala Lys Asn	
1399	1408	1417	1426	
TCA GAG ATG AAG TTT GCT ATC TTC TTC GTT GTT CTT TTG				
Ser Glu MET Lys Phe Ala Ile Phe Phe Val Val Leu Leu				
1435	1444	1454	1464	1474
ACG ACC ACT TTA GGTCACAAAC	ACTTCTCCCT	TATTTTGT		
Thr Thr Thr Leu				
1484	1494	1504	1514	1524
TCTTAATTTC	TTGGAAGTCA	TATGCATGTG	TTTGGTATCA	TGGTATATAT
1534	1544	1554	1564	1574
ATAAAGGAAA	ATATTTTCT	TAATTACTGG	TTTCTAATG	TTTGGTAGGT
1584	1594	1604	1614	1624
AATCGGAAAT	TATTATGAGA	TAATGAACCT	GCAAAGTCAT	TATTATATAA
1634	1644	1654	1664	1674
CTTTTTTTT	ATACTTTGAT	TTAAGAATT	ATTTTCTCA	TTTTATATAA
1684	1694	1704	1714	1724
ACTTATTTT	CAACAGAAAA	TATTTTCGA	ACTATTCAA	CACACCTAA
1734	1744	1754	1764	1774
GACATTACAT	ATATATATAT	ATACACCGTC	CGTTTTATAT	TACTTAATGC
1784	1794	1804	1814	1824
CTATTGAGTT	GGCCCACCT	TTAAGAATGA	TTCAATTAGA	GATATGTTT
1834	1844	1854	1864	1874
ACTAAATTAA	CCTATGCTT	AAGACTCTAA	ATTTGGCTAT	TACTATTTA
1884	1894	1904	1914	1924
CGTTGTAATT	TAATGACAAA	CATTCATAA	TGACTATAGT	CTGAACCTAA
1934	1944	1954	1964	1974
TTAGACAGAC	GTATCTATAG	TTTGCTTACT	AATGATTCA	AGCTATATAT
1984	1994	2004	2014	2024
TTGGAGAGGA	GAGAGACAAA	CGATATTAAG	AAAGGGAGGA	GAGAGGCGAG
2034	2044	2054	2064	2074
GTAAATCTGA	AATAGAGAAG	AGAAAGGCAA	CCAATTGTA	TCATCTATCA
2084	2094	2104	2114	2124
TACTTTGAT	TATTATTTT	ATTATATGTA	CGTTACATT	ACAGTTTCG

FIGURE 7B

2134	2144	2154	2164
AATTCTTACA TTAATCTTAA TCATAATATA TACA GTT GAT ATG			
			Val Asp MET
2173	2182	2191	2200
TCT GGA ATT TCG AAA ATG CAA GTG ATG GCT CTT CGA GAC			
Ser Gly Ile Ser Lys MET Gln Val MET Ala Leu Arg Asp			
2209	2218	2227	2236
ATA CCC CCA CAA GAA ACA TTG CTG AAA ATG AAG CTA CTT			
Ile Pro Pro Gln Glu Thr Leu Leu Lys MET Lys Leu Leu			
2254	2263	2272	2281
CCC ACA AAT ATT TTG GGA CTT TGT AAC GAA CCT TGC AGC			
Pro Thr Asn Ile Leu Gly Leu Cys Asn Glu Pro Cys Ser			
2290	2299	2308	2317
TCA AAC TCT GAT TGC ATC GGA ATT ACC CTT TGC CAA TTT			
Ser Asn Ser Asp Cys Ile Gly Ile Thr Leu Cys Gln Phe			
2326	2335	2344	2353
TGT AAG GAG AAG ACG GAC CAG TAT GGT TTA ACA TAC CGT			
Cys Lys Glu Lys Thr Asp Gln Tyr Gly Leu Thr Tyr Arg			
2371	2380	2393	2403
ACA TGC AAC CTG TTG CCT TGA ACAATATCAA TGATCTATCG			
Thr Cys Asn Leu Leu Pro			
2413	2423	2433	2443
ATCGATCTAT CTATCTATTG ATCTGTCCT GCGCGTATAG TGTTGTCTGT			
2463	2473	2483	2493
ACCTTTGGTG TGAAGAATAT GAATAAAAGGG ATACATATAT CTAGATATAT			
2513	2523	2533	2543
TCTAGGTAAT GTCCTATTGT ATTTAAAATT TGTAGCAATG ATTGTTGAA			
2563	2573	2583	2593
TAAAAAACATA CCATGAGTGA AATAATTATT CCACATTAAT TCACGTATT			
2613	2623	2633	2643
ATTTCACTTA TGATACGTAT TTTTGTTCCT TCGCGTAGA TTTTGATCC			
2663	2673	2683	2693
TTTTCCCTTT TGAATATTAA ACATTAAACA CAAATAATGT TTATTAATT			
2713	2723	2733	2743
AAGTTAATAT TTTTATTAG CTATTTATAT TTTTATTGGA AATCAAACCT			
2763	2773	2783	2793
GATAAAATATT TATAAAGATA ATTAACAAGT AATGTGACAC TAACACCAG			
2813	2823	2833	2843
TAATATTATC TTGTCGTTAT TTATGATAAT ATTTAAAAT TATAATTCA			
2863	2873	2883	2893
GTTAAAAAAAT TATTAACCAAC ACATACTTT AAAAAGTGAG TTAGCCTCCG			
2913	2923	2933	2943
CTACCCACAT ACTTATGAAT TGGACTAGTT GTTTTTGAC CCACAAAAG			
2963	2973	2983	2993
AATGGGCTAA TTAAACCTGA CCTATCAAAT TTCAGAATCT GCATAGATTA			

FIGURE 7C

3013	3023	3033	3043	3053
GTCCGAACGA	AATGAGTCAG	CCCGTATTGA	ACAAAATATC	AACAAGGACG
3063	3073	3083	3093	3103
TTATGTAAAG	ATGTTAAGA	AGGAAAAAAAG	ATTTCTAATA	CATATGGACT
3113	3123	3133	3143	3153
TTCAATATCC	CAACTTGTC	TGGCGATCTG	AACCCTGCTT	AGTTTGTGTA
3163	3173	3183	3193	3203
TCATTAACCT	GTCTTGCTAT	GTATTTAAGA	TTTAAACTTT	ATATGTTAA
3213	3223	3233	3243	3253
ACTTACAGAA	AATACATATA	AATCTCTCAA	GACTTGGCAA	CATAATTTAC
3263	3273	3283	3293	3303
TTTAGTACTT	AAACTACATG	AAAATTTAAA	TATCCTTTA	ACATCTTGA
3313	3323	3333	3343	3353
AGTGAATTAA	ATTATCACAA	TCCGAGCCTA	CACCTTGGAC	GTGGCCGGCA
3363	3373	3383	3393	3403
CTCAAGAACCC	AGTGTGGTC	CCCAAGCTAA	CCCTCATCCT	GACTGACTAC
3413	3423	3433	3443	3453
AAGCGGAAGG	CTAACTTAAG	TATACAAAAG	CTTAAACTG	AATAAAATAA
3463	3473	3483	3493	3503
ACTTTACAAG	GTTTTAACAC	AAATGAACAA	CTTTGAAGAA	AATAATATAT
3513	3523	3533	3543	3553
TCAACTAGCC	ATAAAATAGA	CAACTTTAGT	CTTTAAAACA	TTTAATAAAA
3563	3573	3583	3593	3603
TAAATGCAAA	ATATAGACTC	CTTAACTAAA	CTGACTATCT	ATGGAGCCTC
3613	3623	3633	3643	3653
TAATTGATAA	AGATGGAAGT	CGGGACAAGA	CCACGACATC	CTGACTAAC
3663	3673	3683	3693	3703
TGAGAAGTAA	ATAAAATCCC	CCGGAAAAAA	AGGAGCCTCA	CCATGGCTAA
3713	3723	3733	3743	3753
CTCGAACTCG	GGGATATATC	AATGAAGCTC	CTGTTGATGA	TCTTGAAGAC
3763	3773	3783	3793	3803
ATGTCTCTGC	ATCATAAAAA	AGATGCAGGC	CAAATGGCTC	AGTACGTAAA
3813	3823	3833	3843	3853
ATGTACGAGT	ATGTAAGGGA	AATTCTAAAG	TATAACATAA	GCTTGATACT
3863	3873	3883	3893	3903
TGAATAAAAG	GAAACATACT	TACCTCTTT	CAACTCAACT	CAAATTAAGA
3913	3923	3933	3943	3953
ATAAGATACT	CAACTCAAAG	ATTAGGTATT	CAACGCCAAT	ATGGCACTCT
3963	3973	3983	3993	4003
ACTCAATGAA	GTACAAATTA	ACTCAGGATA	CTCGACTTAA	GATACTCAAC
4013	4023	4033	4043	4053
TCCCGACACT	CAACTGAACT	CATTTCAATA	TAAAGCAGCT	AAAAACAAGT
4063	4073	4083	4093	4103
TCAGTATAAA	GTAAAGTTGT	TTAAAAACAT	GATGTCAACT	CTGTGTGTAT
4113	4123	4133	4143	4153
AATAAGGGAT	ACAAACATAAC	TTTGAAATGT	ATATAAAAAT	ACAATTAACT

FIGURE 7D

416	4173	4183	4193	4203
GATGTATATA	AAAATACATT	AATCTATGGG	AGATTCTCTA	ACCGACAAACC
4213	4223	4233	4243	4253
ATCACTTAAG	GGCTAAGATG	ATGATATAGC	GATCTACCGC	ACGCTGCCAT
4263	4273	4283	4293	4303
CGCATCTTAT	ACCCGGCCAA	AGGTATAAGA	CCTGAACCTGC	CTAATGAATC
4313	4323	4333	4343	4353
CACTAATAAA	CTGTTAAAAG	GAATCATCTA	AAAAGTATGA	CCCTTTTCTA
4363	4373	4383	4393	4403
CCCATAGTGG	CTAACATGGT	TTATGGGGGC	TGTGAGTTAT	CTGAACTCTC
4413	4423	4433	4443	4453
CCCCATATCG	GTGCTCAATA	CTACTCCAAA	AAATATACTG	CTCTTATGTT
4463	4473	4483	4493	4503
TAAAAACATA	CTGATTCTGT	GGTTTGAAAT	TATTGCTTAA	AGCTTAGATT
4513	4523	4533	4543	4553
TTTGAAGC	TCTCTTTGA	AAATCGTAGT	TTCCCTTTTC	TTCTATTAAA
4563	4573	4583	4593	4603
GCTAGACATA	GGCTATGTAG	AACTCTAGCT	TACCTTCCTT	CTCAAAAGTT
4613	4623	4633	4643	4653
TGAAAACATT	TGCTTAGATT	CTTAGGGACT	ACTTAGTTCC	CTTGGTGGAA
			TTC	

FIGURE 7E

PG GENOMIC

10 20 30 40 50
AAGCTTCTTA AAAAGGCCAA TTGATTAATT TGAAGTCAAA ATAATTAATT

60 70 80 90 100
ATAACAGTGG TAAAGCACCT TAAGAAACCA TAGTTGAAA GGTTACCAAT

110 120 130 140 150
GCGCTATATA TTAATCAACT TGATAATATA AAAAAAATT CAATTCGAAA

160 170 180 190 200
AGGGCCTAAA ATATTCTCAA AGTATTGAA ATGGTACAAA ACTACCATCC

210 220 230 240 250
GTCCACCTAT TGACTCCAAA ATAAAATTAT TATCCACCTT TGAGTTAAA

260 270 280 290 300
ATTGACTACT TATATAACAA TTCTAAATT AAACATTTT AATACTTTA

310 320 330 340 350
AAAATACATG GCGTTCAAAT ATTTAATATA ATTTAATTAA TGAATATCAT

360 370 380 390 400
TTATAAACCA ACCAACTACC AACTCATTAA TCATTAAATC CCACCCAAAT

410 420 430 440 450
TCTACTATCA AAATTGTCCT AAACACTACT AAAACAAGAC GAAATTGTC

460 470 480 490 500
GAGTCCGAAT CGAACGCCA ATCTAATTAA GGTTGAGCCG CATATTTAGG

510 520 530 540 550
AGGACACTTT CAATAGTATT TTTTCAAGC ATGAATTGAA ATTAAAGAT

560 570 580 590 600
TAATGGTAAA GAAAGTAGTAC ATCCCGAATT AATTCAATGCC TTTTTAAAT

610 620 630 640 650
ATAATTATAT AAATATTAT GATTGTTTT AAATATTAAA ACTTGAATAT

660 670 680 690 700
ATTATTTTT TAAAAATTAT CTATTAAGTA CCATCACATA ATTGAGACGA

710 720 730 740 750
AGGAATAATT AAGATGAACA TAGTGTAA TTAGTAATGG ATGGGTAGTA

FIGURE 8A

760	770	780	790	800
AATTTATTAA TAAATTATAT CAATAAGTTA AATTATAACA AATATTTGAG				
810	820	830	840	850
CGCCATGTAT TTTAAAAAAAT ATTAAATAGT TTGAATTAA AACCGTTAGA				
860	870	880	890	900
TAAATGGTCA ATTTGAACC CAAAAGTGGTA TGAGAAGGGT ATTTAGAGC				
910	920	930	940	950
CAATAGGRGG ATGAGAAGGA TATTTGAAG CCAATATGTG ATGGATGAAG				
960	970	980	990	1000
GATAATTTG TATCATTCT AATACTTAA AGATATTTA GGTCAATTTC				
1010	1020	1030	1040	1050
CCTTCCTTAG TTTATAGACT ATAGTGTAG TTCATCGAAT ATCATCTATT				
1060	1070	1080	1090	1100
ATTTCCGTCT TAAATTATTT TTTATTTAT AAATTTTTA AAAATAAATT				
1110	1120	1130	1140	1150
ATTTTTCCA TTTAACCTTG ATTGTAATTA ATTTTAAAA ATTACCAACA				
1160	1170	1180	1190	1200
TATAAATAAA ATTAATATTT AACAAAGAAT TGTAACATAA TATTTTTTA				
1210	1220	1230	1240	1250
ATTATTCAAA ATAAATATTT TTAAACATCA TATAAAAGAA ATACGACAAA				
1260	1270	1280	1290	1300
AAAATTGAGA CGGGAGAAGA CAAGCCAGAC AAAAATGTCC AAGAAACTCT				
1310	1320	1330	1340	1350
TTCGTCTAAA TATCTCTCAT CCAAACATAAT ATAATACCCA TTATAATTAA				
1360	1370	1380	1390	1400
CCATATTGAC CAACTCAAAC CCCTTAAAT CTATAAATAG ACAAAACCCTT				
1410	1420	1430	1440	1450
CCCATACCTC TTATCATAAA AAAAATAATA ATCTTTTCA ATAGACAAAGT				
1460	1470	1480	1490	1500
TTAAAAACCA TACCATATAA CAATATATCA TGGTTATCCA AAGGAATAGT				

FIGURE 8B

1510 1520 1530 1540 1550
ATTCTCCCTTC TCATTATTAT TTTTGCTTCA TCAATTCAA CTTGTAGAAG

1560 1570 1580 1590 1600
CAATGTTATT GATGACAATT TATTCAAACCA AGTTTATGAT AATATTCTTG

1610 1620 1630 1640 1650
AACAAAGAATT TGCTCATGAT TTTCAAGCTT ATCTTTCTTA TTTGAGCAAA

1660 1670 1680 1690 1700
AATATTGAAA GCAACAATAA TATTGACAAG GTTGATAAAA ATGGGATTAA

1710 1720 1730 1740 1750
AGTGATTAAT GTACTTAGCT TTGGAGCTAA GGGTGATGGA AAAACATATG

1760 1770 1780 1790 1800
ATAATATTGT AAGTATTAA ATATTGGAAT ATATTTGTGG GGATGAAAAT

1810 1820 1830 1840 1850
GATAGAGAAT ATAAGAATTA TTTGGAAGGA TGAAAAGTTA TATTTTATAA

1860 1870 1880 1890 1900
AGTAGAAAAT TATTTTCTCG TTTTAGTAA TTAAAGGTGA AAAATGAGTT

1910 1920 1930 1940 1950
TTCTCGTAAG CGAGGAAAGT CATTTCAT GGAACGTAT TTTTTTTTA

1960 1970 1980 1990 2000
CTTTAATAA CGTCATAGTA TTTGCTATAC TCAAGAATAA GACACTATTA

2010 2020 2030 2040 2050
TTGATGTTA GTGCTCGAAA AGAAATTGAT AGTAATTGAT CTAATATAAC

2060 2070 2080 2090 2100
TATCAATTTC TTATATGTAT ATTTTCAAC CAAAATAACA AAGCGTAATC

2110 2120 2130 2140 2150
CAATAAGTGG GCCTCTAGAA TAAAGAGTAA GTTCTATTAA TTCTAACCT

2160 2170 2180 2190 2200
TATTTAATT TATGGAAACC TCGACAAAAC GACAATGCTC AACTTATATT

CGAATTTC

FIGURE 8C

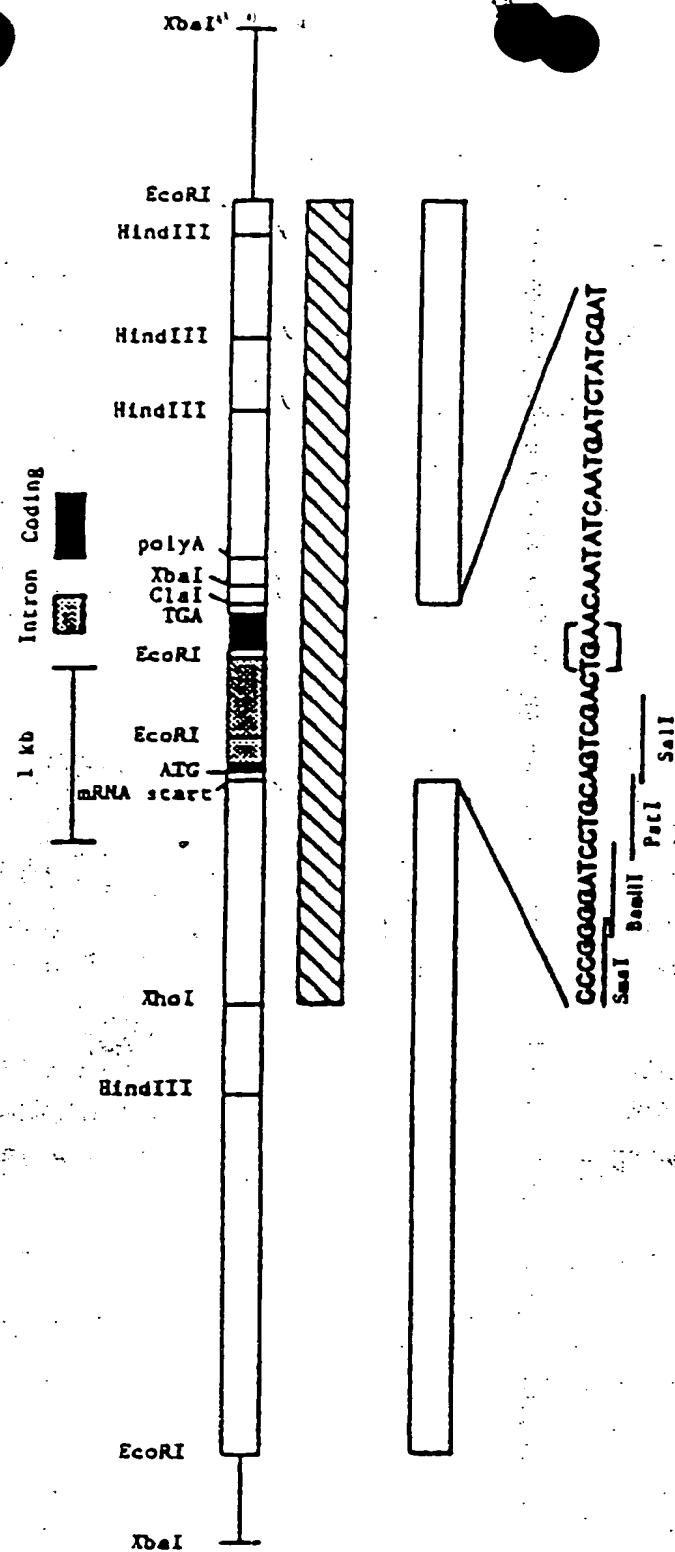


FIGURE 9

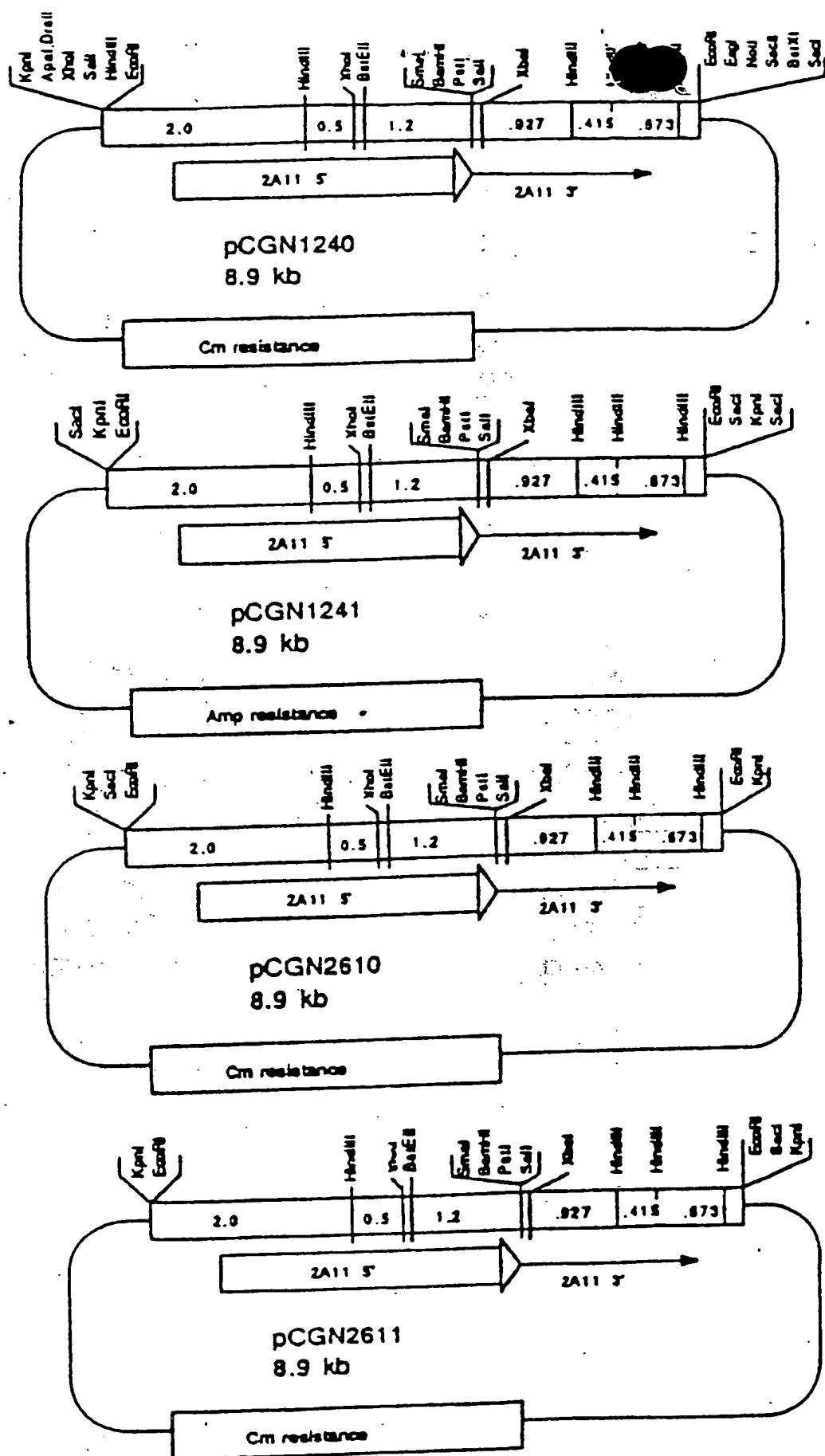


FIGURE 10